

靳琳宇, 史明月, 姚蕾, 等. 晋汾白猪 *CXXC5* 基因的生物信息学分析及表达[J]. 山西农业科学, 2025, 53(6):57-63.

JIN L Y, SHI M Y, YAO L, et al. Bioinformatics analysis and expression of *CXXC5* gene in Jinfen white pig[J]. Journal of Shanxi Agricultural Sciences, 2025, 53(6):57-63.

doi:10.26942/j.cnki.issn.1002-2481.2025.06.07

晋汾白猪 *CXXC5* 基因的生物信息学分析及表达

靳琳宇¹, 史明月¹, 姚蕾¹, 徐浩楠¹, 杨恬¹, 李步高^{1,2}, 曹果清^{1,2}, 路畅^{1,2}

(1. 山西农业大学 动物科学学院, 山西 晋中 030801; 2. 畜禽遗传资源发掘与精准育种山西省重点实验室, 山西 晋中 030801)

摘要: *CXXC5* 是一种含有 CXXC 型锌指结构域的蛋白质, 参与多种生物学过程, 在基因表达调控中发挥重要作用。为研究 *CXXC5* 基因的生物学特性及其在晋汾白猪骨骼肌不同发育阶段和不同组织中的表达差异, 通过多种生物信息学软件对 *CXXC5* 基因进行分析, 包括蛋白质理化性质、亚细胞定位、信号肽预测、二级和三级结构特征等。基于 1、90 d 和 180 d 晋汾白猪的背最长肌组织转录组测序数据, 构建了 *CXXC5* 基因的表达谱, 并通过实时荧光定量 PCR (qRT-PCR) 评估了 90 d 晋汾白猪心、肝、脾、肺、肾、背肌、背脂组织中 *CXXC5* 基因的表达水平。生物信息学分析结果显示, 猪 *CXXC5* 蛋白分子质量为 32 968.81 u, 等电点为 9.35, 主要定位于细胞核, 是一种亲水性非分泌蛋白且不稳定, 无规则卷曲、 α -螺旋和延伸链是构成该蛋白二级结构和三级结构的主要方式。qRT-PCR 结果显示, *CXXC5* 基因在背最长肌中 90 d 表达量最高, 180 d 表达量最低; 在肝脏中的表达量显著高于其他组织, 其次是背肌, 在肺脏中相对表达量较低。综上, *CXXC5* 在骨骼肌不同发育阶段中的表达具有显著差异, 其是骨骼肌生长发育过程中的重要调控因子之一。

关键词: 晋汾白猪; *CXXC5* 基因; 生物信息学; 蛋白质理化性质; 亚细胞定位; 信号肽预测

中图分类号: S828 **文献标识码:** A **文章编号:** 1002-2481(2025)06-0057-07

Bioinformatics Analysis and Expression of *CXXC5* Gene in Jinfen White Pig

JIN Linyu¹, SHI Mingyue¹, YAO Lei¹, XU Haonan¹, YANG Tian¹,

LI Bugao^{1,2}, CAO Guoqing^{1,2}, LU Chang^{1,2}

(1. College of Animal Science, Shanxi Agricultural University, Jinzhong 030801, China;

2. Shanxi Key Laboratory of Animal Genetics Resource Utilization and Breeding, Jinzhong 030801, China)

Abstract: *CXXC5* is a protein containing CXXC-type zinc finger domain, which is involved in many biological processes and plays an important role in gene expression regulation. In order to study the biological characteristics of *CXXC5* gene and its expression differences in different developmental stages and tissues of Jinfen white pig skeletal muscle, in this study, a comprehensive analysis of *CXXC5* gene was carried out by a variety of bioinformatics software, including protein physicochemical properties, subcellular localization, signal peptide prediction, and secondary and tertiary structure characteristics. Based on the transcriptome sequencing data of longissimus dorsi of 1 d, 90 d, and 180 d Jinfen white pigs, the expression profile of *CXXC5* gene was constructed, and the expression level of *CXXC5* gene in heart, liver, spleen, lung, kidney, back muscle, and back fat tissues of 90 d Jinfen white pigs was evaluated by real-time quantitative fluorescent PCR (qRT-PCR). The results of bioinformatics analysis showed that porcine *CXXC5* protein was with molecular weight of 32 968.81 u and isoelectric point of 9.35, mainly located in the nucleus, was a hydrophilic non-secreted protein and unstable. Random coil, α helix, and extended strand were the main ways to constitute the secondary and tertiary structure of this protein. The results of qRT-PCR showed that the expression of *CXXC5* gene was the highest in longissimus dorsi at 90 d and the lowest at 180 d. The expression level was significantly higher in liver than that in other tissues, followed by back muscle, and relatively low in lung. In conclusion, the expression of *CXXC5* was significantly different in different developmental stages of skeletal muscle, and it was one of the

收稿日期: 2025-02-24

基金项目: 山西省高等学校科技创新项目 (2021L158); 山西省基础研究计划 (20210302124639)

作者简介: 靳琳宇, 在读硕士, 研究方向: 动物遗传育种, E-mail: 189975521@qq.com

通信作者: 路畅, 副教授, 博士, 主要从事动物遗传育种研究, E-mail: luchang@sxau.edu.cn

important regulatory factors in the growth and development of skeletal muscle.

Keywords: Jinfen white pig; CXXC5 gene; bioinformatics; protein physicochemical properties; subcellular localization; signal peptide prediction

猪肉因价格适中,味道美味,成为最受欢迎的肉类之一^[1]。在我国畜牧业中,生猪产业一直占据着重要的地位,并对我国的国计民生起着至关重要的作用^[2]。动物的骨骼肌是肉产品的主要来源,约占体质量的 40%,是机体最大的组织和主要的代谢活动场所,为人类提供了优质的动物蛋白和营养物质^[3]。在过去的几十年里,提高猪的生长速度和肌肉质量,一直是畜牧养殖领域关注的重点^[4]。骨骼肌的生长发育是影响猪肉品质的关键,也一直是动物遗传育种领域研究的重点之一。

CXXC5 是一种含有 CXXC 锌指结构域(ZF-CXXC)的蛋白家族成员。CXXC 结构域的研究始于 20 世纪 90 年代,科学家发现该结构域能够特异性结合 DNA,尤其是在未甲基化的 CpG 岛区域,从而在表观遗传调控中发挥关键作用^[5]。CXXC5 作为 CXXC 家族成员之一,其研究起步较晚。21 世纪初,CXXC5 基因在人类和小鼠中的克隆及其在发育和疾病中的功能研究逐渐展开。CXXC5 能够调节包括 TGF- β ^[6]、Wnt^[7]和 ATM-p53^[8]在内的多种信号转导过程,在成骨细胞和人皮肤细胞中与 Dvl 蛋白相互作用,抑制 Wnt/ β -catenin 信号途径,影响成骨细胞的发育和皮肤创伤的愈合^[9]。CXXC5 通过调控细胞增殖、分化和凋亡,在组织发育与稳态中发挥着至关重要的作用。已有研究使用荧光素酶基因报告基因筛选 CXXC5 可能参与的信号通路,发现 CXXC5 的过表达显著增加了心脏和骨骼肌分化信号通路报告基因的转录活性,而 CXXC5 的 RNAi 干扰明显与过表达测定的结果相反^[10]。在心房颤动大鼠心肌纤维化中的表达及其对心肌纤维化的影响及可能机制的研究中,发现过表达 CXXC5 可通过抑制 TGF- β 1/Smad7 信号通路,从而抑制心房颤动大鼠心肌纤维化,证明了 CXXC5 是心房颤动心肌纤维化的潜在靶点^[11]。

此外,CXXC5 的研究还聚焦于探究其在疾病中的潜在作用和临床意义^[12]。已有研究表明,CXXC5-ZNF143/EGR1 轴形成驱动卵巢细胞增殖和肿瘤发生的网络,并强调 CXXC5 是卵巢癌治

疗的潜在治疗靶点^[13];CXXC5 能够抑制炎症性肠病的发生,促进肠上皮细胞的损伤修复,是控制肠炎发生的一个重要调控子^[14]。

晋汾白猪是将马身猪、二花脸猪、长白猪和大白猪作为亲本,通过杂交选育而成的一种新品种,具有肉质好、产仔多、生长速度快等特点^[15]。目前,关于 CXXC5 基因的特征及其表达谱信息在猪中的研究报道较为有限,CXXC5 在调节骨骼肌生长发育中可能起重要作用,但具体作用尚未得到充分阐明。因此,关于 CXXC5 基因对晋汾白猪骨骼肌生长发育影响的问题仍需要深入研究。

本研究通过生物信息学工具分析晋汾白猪 CXXC5 蛋白的基本理化性质和结构,利用 qRT-PCR 技术检测 CXXC5 基因在晋汾白猪不同发育阶段的骨骼肌组织中表达的动态变化及在不同组织中的差异表达情况,旨在为深入理解 CXXC5 基因的功能提供重要数据,为揭示 CXXC5 基因在猪骨骼肌生长发育中的调控机制提供理论依据,为相关疾病的机制研究和治疗提供新思路。

1 材料和方法

1.1 试验动物与样品收集

选用由山西大同种猪场提供的晋汾白猪 9 头,屠宰后采集其 1、90、180 d 的心、肝、脾、肺、肾、背肌、腹脂共 7 种组织器官,放入离心管中,液氮速冻,于 -80 °C 保存备用。

1.2 总 RNA 提取及 cDNA 合成

采用 Trizol 法从晋汾白猪不同组织中提取总 RNA,利用 ND-1000 核酸蛋白测定仪测定总 RNA 的 OD_{260/280} 值,确定 RNA 的纯度,按照反转录试剂盒的操作说明进行反转录合成 cDNA。第 1 步反应体系 10 μ L: RNA 500 ng, 5 \times gDNA Eraser buffer 2 μ L, gDNA Eraser 1 μ L, 加 RNase Free ddH₂O 至 10 μ L。反应程序:振荡混匀并离心,42 °C 2 min, 4 °C 5 min。第 2 步反应体系 20 μ L: 第 1 步产物 10 μ L, RNase Free H₂O 4 μ L, 5 \times PrimeScript Buffer 2 4 μ L, Prime Script RT Enzyme Mix 1 μ L, RT Primer Mix 1 μ L。反应程序:37 °C 15 min, 85 °C 5 s。cDNA 保存于 -20 °C。

1.3 CXXC5引物设计与合成

根据美国国家生物技术信息中心数据库中猪 CXXC5 基因序列进行预测,并且使用 Primer Premier(v6.0)进行引物设计,引物序列见表 1,引物均由上海生工生物公司合成。

表 1 猪 CXXC5 克隆引物

Tab.1 Primer used for cloning of porcine CXXC5

引物	Primer	引物序列(5'-3')	Primer sequence(5'-3')
CXXC5		F:AGAAGGTGATGCTTCCGACG R:CATCCGTTTGTCTTCGCC	

1.4 qRT-PCR

qRT-PCR 反应体系 20 μL : cDNA 3 μL , 2 \times SYBR qPCR Master Mix 10 μL , 上下游引物各 0.5 μL , RNase Free ddH₂O 6 μL 。反应程序: 95 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 30 s; 95 $^{\circ}\text{C}$ 变性 5 s, 60 $^{\circ}\text{C}$ 退火 31 s, 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 25 s, 共 40 个循环。

1.5 生物信息学分析

使用 ClustalW 软件构建不同物种中 CXXC5 同源基因的生物进化树,以评估这些基因之间的进化关系及同源程度。利用 ExPASy 服务器上的 ProtParam 工具分析 CXXC5 蛋白的基本物理化学性质,如分子质量、等电点(pI)、氨基酸组成等。通过 SignalP 4.1 服务器预测 CXXC5 蛋白是否含有信号肽及其可能的位置,理解蛋白质的分泌机制。使用 ProtScale 工具对 CXXC5 蛋白进行疏水性分析,用 PSORT II prediction 预测 CXXC5 蛋白亚细胞定位,即确定该蛋白最有可能存在于细胞内的哪个部分。分别用 SOPMA 和 Swiss-model 预测 CXXC5 蛋白的二级结构特征和三级结构模型。

1.6 数据处理与分析

试验中 PCR 结果数据采用 SPSS 22.0 软件进行处理,单因素方差分析各组数据间的差异。

2 结果与分析

2.1 猪 CXXC5 基因生物信息学分析

2.1.1 CXXC5 基因系统进化树的构建 在本研究中,首先通过访问美国国家生物技术信息中心(NCBI)的 GenBank 数据库,获取了猪、牛、羊、鸡、人、小鼠、猫和犬这 8 个物种的 CXXC5 同源基因所编码的蛋白质序列,整理成表 2,作为后续分析的基础数据。利用多序列比对工具 ClustalW 对上述

蛋白质序列进行比对分析。基于比对结果,使用最大似然法构建了系统进化树(图 1),直观地展示了不同物种间基于 CXXC5 蛋白序列的亲缘关系。结果显示,猪的 CXXC5 与牛、羊之间的亲缘关系最为接近,表明这 3 个哺乳动物的 CXXC5 在进化历史上拥有一个较近的共同祖先,并且它们的 CXXC5 蛋白序列表现出高度的保守性和相似性;其次依次是猫和犬,相比之下,猪的 CXXC5 与鸡之间的亲缘关系明显更加疏远。

表 2 不同物种 CXXC5 基因编码蛋白序列

Tab.2 Protein sequences encoded by CXXC5 gene in different species

物种	Species	登录号	Accession number
鸡	Chicken		XM_046927243.1
小鼠	Mouse		NM_001007628.2
人	Human		NM_001317207.2
猪	Pig		XM_021084872.1
羊	Sheep		XM_042250956.1
牛	Cattle		NM_001038176.2
猫	Cat		XM_023255761.2
犬	Dog		XM_038658597.1

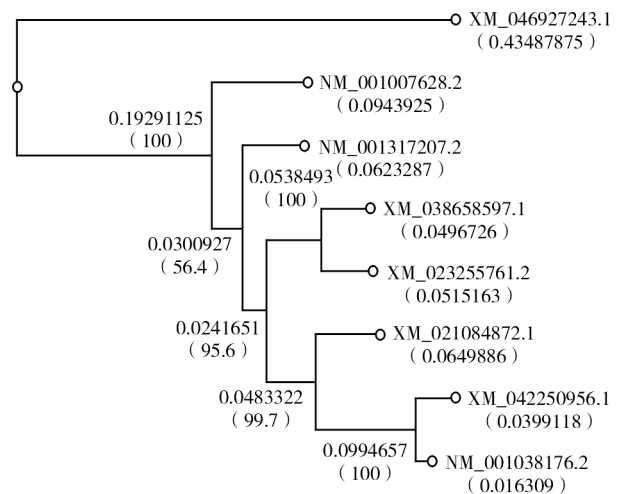


图 1 CXXC5 蛋白系统进化树

Fig.1 Phylogenetic tree of CXXC5 protein

2.1.2 CXXC5 蛋白基本理化性质分析 通过 ExPASy 服务器中的 ProtParam 工具对 CXXC5 蛋白质进行理化性质分析,结果表明(表 3),CXXC5 蛋白质由 322 个氨基酸残基组成,其中,丙氨酸(Ala)的比例最高,为 16.1%;色氨酸(Trp)的比例最低,为 0.3%。CXXC5 蛋白分子式为 C₁₄₀₁H₂₂₇₉N₄₂₃O₄₄₅S₁₈,分子质量为 32 968.81 u,理论等电点(pI)为

9.35,正、负电残基总数分别为 37、26 个,亲水性总平均系数为-0.268,不稳定指数为 50.68,超过了 40

的标准阈值,则该蛋白为不稳定蛋白。

表 3 CXXC5 基因编码蛋白质的氨基酸组成
Tab.3 The amino acid composition of proteins encoded by CXXC5 gene

氨基酸	Amino acid	数量/个	Number	占比/%	Proportion	氨基酸	Amino acid	数量/个	Number	占比/%	Proportion
Ala(A)		52		16.1		Lys(K)		21		6.5	
Arg(R)		16		5.0		Met(M)		10		3.1	
Asn(N)		10		3.1		Phe(F)		9		2.8	
Asp(D)		8		2.5		Pro(P)		19		5.9	
Cys(C)		8		2.5		Ser(S)		39		12.1	
Gln(Q)		11		3.4		Thr(T)		9		2.8	
Glu(E)		18		5.6		Trp(W)		1		0.3	
Gly(G)		35		10.9		Tyr(Y)		3		0.9	
His(H)		6		1.9		Val(V)		11		3.4	
Ile(I)		7		2.2		Pyl(O)		0		0.0	
Leu(L)		27		8.4		Sec(U)		0		0.0	

2.1.3 CXXC5 蛋白信号肽分析 利用 SignalP 4.1 服务器程序对猪 CXXC5 蛋白进行信号肽预测分析,以评估该蛋白是否具有分泌能力,结果显示(图 2),CXXC5 蛋白 N 端不存在明显的信号肽切割位点,即不包含信号肽序列,因此,该蛋白属于非分泌蛋白。

质中最亲水的位置,相反,第 111 位和第 112 位氨基酸的得分最高,均为 1.956,显示出最强的疏水性。这种分布模式暗示了 CXXC5 蛋白内部可能存在功能域或结构特征,这些区域的不同亲/疏水性质可能会对其三维折叠、与其他分子的相互作用以及最终的功能实现产生重要影响。进一步观察发现,在全部 322 个氨基酸中,超过半数以上的氨基酸得分小于 0,这表明 CXXC5 蛋白整体上倾向于亲水性。

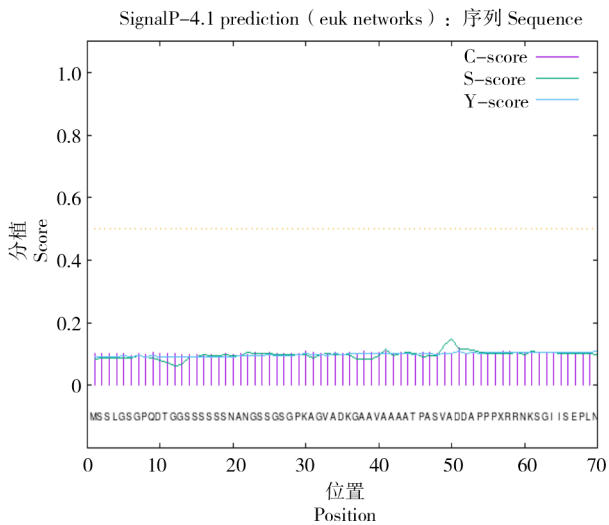


图 2 CXXC5 蛋白信号肽分析
Fig.2 The protein signal peptide analysis of CXXC5

2.1.4 CXXC5 蛋白亲、疏水性分析 利用 ProtScale 工具对 CXXC5 蛋白进行亲/疏水性分析,结果如图 3 所示,CXXC5 蛋白由 322 个氨基酸残基组成,每个氨基酸都分配了 1 个亲水性得分,得分最低的是第 258 位氨基酸,为-2.956,表明这是整个蛋白

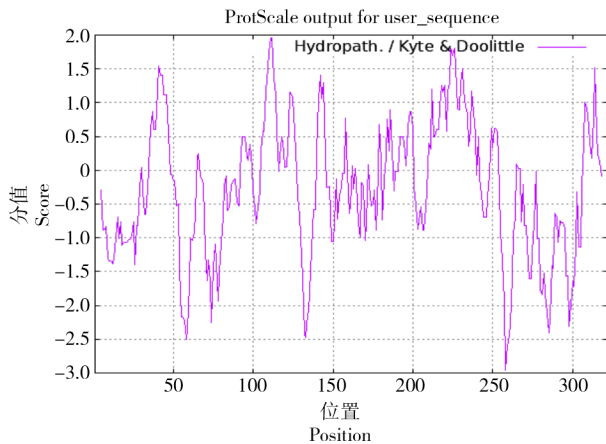


图 3 CXXC5 蛋白疏水性图谱
Fig.3 The protein hydrophobicity atlas of CXXC5

2.1.5 CXXC5 蛋白亚细胞定位预测 用 PSORT II prediction 软件程序对 CXXC5 蛋白进行亚细胞定位预测,结果显示(图 4),CXXC5 蛋白可能主要存在于细胞核内,概率高达 78.3%,表明 CXXC5 蛋

3 结论与讨论

CXXC5 拥有广泛的生物学功能,包括信号转导、细胞凋亡、细胞能量代谢和血管生成^[16],对于成纤维细胞、神经干细胞、心肌细胞等细胞的迁移和分化都具有重要作用^[17-18]。本研究分析了 CXXC5 基因在物种间的序列保守性,发现哺乳类样本在进化树中显示出了更近的亲缘关系,与非哺乳类样本如鸡,则有较大的分支分离。CXXC5 蛋白为不稳定蛋白,不含信号肽,属于非分泌蛋白。信号肽为蛋白 N 端的一段疏水性氨基酸序列,该区域负责指引蛋白质在细胞内的运输^[19],非分泌蛋白表示 CXXC5 可能参与细胞内的生物过程,如基因表达调控、细胞骨架组织等。此外,CXXC5 蛋白为亲水性蛋白,意味着该蛋白更可能与水相溶,并且更容易分布在细胞质或其他水相环境中。PSORT II 的预测结果显示,猪 CXXC5 蛋白具有显著的细胞核定位倾向,表明它很可能参与细胞核内的生物过程,如 DNA 复制、转录调控、RNA 加工以及其他染色质相关活动。已有研究发现,CXXC5 蛋白定位于细胞核和细胞质中,且所有表达 CXXC5 的细胞核均出现了细胞核浓缩致密,表明 CXXC5 可能参与细胞凋亡^[20]。最后,预测 CXXC5 蛋白二级结构主要为无规则卷曲结构,其次依次为 α -螺旋和延伸链结构,结构较为复杂,可能参与复杂的调控网络和多种生物学过程。

背肌是猪体内重要的骨骼肌之一,广泛应用于研究肌肉发育、生长和肉质特性。在本研究中,背最长肌作为骨骼肌的代表组织,被用于分析 CXXC5 基因在晋汾白猪骨骼肌生长发育中的表达变化。qRT-PCR 检测 CXXC5 基因在 1、90、180 d 晋汾白猪背肌中的表达情况,发现在 90 d 时 CXXC5 基因的表达量最高,达到了 3 个时间点中的峰值,180 d 时表达量最低。90 d 时,晋汾白猪处于快速生长期,骨骼肌的肌纤维直径显著增大,肌肉质量快速积累,是骨骼肌发育的关键阶段。CXXC5 基因表达量显著上升并达到峰值,表明其可能在骨骼肌快速生长和肌纤维增大过程中发挥重要调控作用,也可能通过调控细胞增殖、分化或信号通路(如 Wnt/ β -catenin 通路)来促进骨骼肌的发育。180 d 时,晋汾白猪的骨骼肌发育逐渐趋于成熟,CXXC5 基因表达量下降至低水平,可能与其在骨骼肌发育中的调控作用减弱有关。

已有研究表明,CXXC5 在成人组织中均有表达,且在肌肉、肾、食管中高表达,这表明其在不同组织中均有功能^[21]。通过分析 CXXC5 基因在晋汾白猪 90 d 时不同组织中的表达变化,发现其在 7 种组织中均有表达且具有显著差异,在肝脏和背肌中表达量相对较高,在脾脏和肺脏中表达量较低。肝脏是体内代谢的核心器官,在肝脏和背肌中的高表达可能与其在代谢调控和骨骼肌发育中的重要作用相关。相反,脾脏和肺脏的主要功能与免疫和呼吸相关,而非细胞增殖和代谢的核心器官,CXXC5 基因在这 2 种组织中的低表达可能与其功能在这些组织中的调控作用较弱有关。总之,CXXC5 基因在晋汾白猪不同组织中的表达差异反映了其功能的组织特异性,下一步还需深入探究 CXXC5 基因在骨骼肌生长发育中的潜在调控机制和分子调控网络。

本研究揭示了 CXXC5 基因的多种关键特性,并对其在晋汾白猪不同组织中的表达进行了深入分析,研究表明,CXXC5 可能通过影响细胞增殖和参与多种信号通路等,对猪骨骼肌的生长发育起到调控作用。但其在猪骨骼肌生长发育中的研究还比较少。目前,关于猪骨骼肌生长发育的研究重点更多地集中在探究骨骼肌细胞分化过程中标志性的成肌因子^[22],以及猪骨骼肌纤维类型和能量代谢相关基因的表达特性等方面^[23]。本研究结果不仅为理解 CXXC5 基因在猪骨骼肌发育中的分子机制提供了依据,还为其他物种中 CXXC5 同源基因功能的研究提供了参考,具有广泛的应用前景和科学价值。

参考文献:

- [1] 刘晨阳,辛翔飞,王祖力,等.我国生猪生产增长动因分析:基于产业发展历程及增长因素分解[J].中国畜牧杂志,2024,60(4):347-352.
LIU C Y, XIN X F, WANG Z L, et al. Analysis on the motivation of pig production growth in China: based on the industrial development course and the decomposition of growth factors[J]. Chinese Journal of Animal Science, 2024, 60(4): 347-352.
- [2] 王立贤,王立刚.生猪种业的昨天、今天和明天[J].中国畜牧业,2021(11):24-27.
WANG L X, WANG L G. Yesterday, today and tomorrow of pig breeding industry[J]. China Animal Industry, 2021(11): 24-27.
- [3] 何玉琳,靳建军,李栋,等. MicroRNA 调控猪骨骼肌发育的研究进展[J].生物工程学报,2023,39(4):1514-1524.
HE Y L, JIN J J, LI D, et al. Porcine skeletal muscle develop-

- ment regulated by microRNA: a review[J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2023, 39(4): 1514-1524.
- [4] 谢艳华, 杨亦民. 生猪产业低碳发展的研究进展与展望[J]. 畜牧与兽医, 2024, 56(9): 132-141.
XIE Y H, YANG Y M. Progress in research on and prospect of low carbon development in the pig industry[J]. Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 2024, 56(9): 132-141.
- [5] XIONG X Y, TU S, WANG J B, et al. CXXC5: a novel regulator and coordinator of TGF- β , BMP and Wnt signaling[J]. Journal of Cellular and Molecular Medicine, 2019, 23(2): 740-749.
- [6] YAN X H, WU J Y, JIANG Q L, et al. CXXC5 suppresses hepatocellular carcinoma by promoting TGF- β -induced cell cycle arrest and apoptosis[J]. Journal of Molecular Cell Biology, 2018, 10(1): 48-59.
- [7] KIM H Y, YOON J Y, YUN J H, et al. CXXC5 is a negative-feedback regulator of the Wnt/ β -catenin pathway involved in osteoblast differentiation[J]. Cell Death & Differentiation, 2015, 22(6): 912-920.
- [8] ZHANG M, WANG R P, WANG Y Y, et al. The CXXC finger 5 protein is required for DNA damage-induced p53 activation[J]. Science in China Series C: Life Sciences, 2009, 52(6): 528-538.
- [9] LEE S H, KIM M Y, KIM H Y, et al. The Dishevelled-binding protein CXXC5 negatively regulates cutaneous wound healing [J]. The Journal of Experimental Medicine, 2015, 212(7): 1061-1080.
- [10] LI G M, YE X L, PENG X Y, et al. CXXC5 regulates differentiation of C2C12 myoblasts into myocytes[J]. Journal of Muscle Research and Cell Motility, 2014, 35(5): 259-265.
- [11] 李小兵, 王军, 吕璞, 等. CXXC5对心房颤动大鼠心肌纤维化的影响及机制[J]. 中国免疫学杂志, 2020, 36(13): 1552-1557.
LI X B, WANG J, LÜ Y, et al. Effect of CXXC5 on myocardial fibrosis in rats with atrial fibrillation and its mechanism[J]. Chinese Journal of Immunology, 2020, 36(13): 1552-1557.
- [12] LI X, LÜ X Y, LI H J, et al. Undifferentially expressed CXXC5 as a transcriptionally regulatory biomarker of breast cancer[J]. Advanced Biology, 2023, 7(12): 2300189.
- [13] GENG T, SUN Q G, HE J L, et al. CXXC5 drove inflammation and ovarian cancer proliferation *via* transcriptional activation of ZNF143 and EGR1[J]. Cellular Signalling, 2024, 119: 111180.
- [14] 郝从芳, 谢亚栋, 马世鑫, 等. 锌指蛋白 CXXC5通过调节肠上皮细胞的增殖修复以控制肠炎的发生[J]. 免疫学杂志, 2018, 34(8): 674-682.
HAO C F, XIE Y D, MA S X, et al. Zinc-finger-containing protein CXXC5 is critical for the suppression of colitis by promoting the injury repair of intestinal epithelial cells[J]. Immunological Journal, 2018, 34(8): 674-682.
- [15] 郭晓红, 王效京, 张敏, 等. 晋汾白猪生长发育性状的选育研究[J]. 中国畜牧兽医, 2013, 40(9): 228-231.
GUO X H, WANG X J, ZHANG M, et al. Study on selection of growth and development performance of Jinfen white pig[J]. China Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 2013, 40(9): 228-231.
- [16] PENG X Y, LI G M, WANG Y Q, et al. CXXC5 is required for cardiac looping relating to TGF β signaling pathway in zebrafish[J]. International Journal of Cardiology, 2016, 214: 246-253.
- [17] KÜHNL A, VALK P J M, SANDERS M A, et al. Down-regulation of the Wnt inhibitor CXXC5 predicts a better prognosis in acute myeloid leukemia[J]. Blood, 2013, 122(21): 52.
- [18] MA S X, WAN X L, DENG Z H, et al. Epigenetic regulator CXXC5 recruits DNA demethylase Tet2 to regulate TLR7/9-elicited IFN response in pDCs[J]. The Journal of Experimental Medicine, 2017, 214(5): 1471-1491.
- [19] 王丽屏, 邓玲聪, 王大红, 等. 唾液乳杆菌 CICC23174 全基因组测序及功能分析[J]. 中国兽医学报, 2024, 44(8): 1659-1666.
WANG L P, DENG L C, WANG D H, et al. Whole genome sequencing and function analysis of *Ligilactobacillus salivarius* CICC23174[J]. Chinese Journal of Veterinary Science, 2024, 44(8): 1659-1666.
- [20] 廖鹏. 人类心脏发育候选基因 *ZNF₃₈₂* 和 *CXXC5* 的功能研究[D]. 长沙: 湖南师范大学, 2008.
LIAO P. Roles of human heart developmental candidate genes *ZNF₃₈₂* and *CXXC5*[D]. Changsha: Hunan Normal University, 2008.
- [21] 王西君, 廖鹏, 王跃群, 等. CXXC5多克隆抗体的制备及表达研究[J]. 激光生物学报, 2011, 20(3): 334-337.
WANG X J, LIAO P, WANG Y Q, et al. A preparation of polyclonal antibody and expression of human *CXXC5* gene[J]. Acta Laser Biology Sinica, 2011, 20(3): 334-337.
- [22] CAI S F, HU B, WANG X Y, et al. Integrative single-cell RNA-seq and ATAC-seq analysis of myogenic differentiation in pig[J]. BMC Biology, 2023, 21(1): 19.
- [23] 张燕伟, 蔡春波, 孙迪, 等. 猪骨骼肌纤维类型和能量代谢相关基因的表达特性研究[J]. 中国畜牧兽医, 2022, 49(4): 1223-1232.
ZHANG Y W, CAI C B, SUN D, et al. Study on expression characteristics of myofiber types and energy metabolism related genes in pigs[J]. China Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 2022, 49(4): 1223-1232.